



TRABALHOS CIENTÍFICOS

AREA TEMÁTICA: BIOTECNOLOGIA

377-5 - EXPRESSÃO DE GENES ENVOLVIDOS NA FASE DE ELONGAÇÃO DAS FIBRAS DO ALGODOEIRO UPLAND

Liziane Maria de Lima¹, Morganna Pollynne Nóbrega Pinheiro², Vandrê Guevara Lyra Batista², Péricles de Albuquerque Melo Filho³, Roseane Cavalcanti Santos¹

¹ *CNPA - Embrapa Algodão*, ² *RENORBIO/ UFRPE - Rede Nordeste de Biotecnologia/ UFRPE*, ³ *UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco*

Resumo:

O algodão é a principal fonte de fibra natural e representa cerca de 50% da produção mundial. O Brasil ocupa a quinta posição entre os maiores produtores, para a safra 2014/15 a produção em pluma está estimada em 1.5 mil toneladas. Dada a sua importância para o agronegócio, a fibra é sempre alvo dos programas de melhoramento genético, com pesquisas que visam o melhoramento das propriedades físicas (comprimento e qualidade) e químicas (teor de celulose), além da produtividade da pluma. Muitos dos genes estudados em relação às fibras estão presentes em algumas vias biológicas e são ativamente expressos durante o todo o desenvolvimento da fibra, outros são diferencialmente expressos durante as diferentes fases: iniciação (-3 ± 3 dias após antese - DPA), alongação (5 ± 25 DPA), formação da parede celular secundária (20 ± 45 DPA) e maturação (40 ± 50 DPA), estas fases envolvem os processos biomecânicos de rápida divisão celular, diferenciação e expansão, indicando que um grande número de genes participa do processo regulatório do desenvolvimento da fibra. No presente estudo, seis genes (*GhASH*, *GhFIB010*, *GhGLUC*, *GhMYB*, *GhOVU* e *GhUDP*) identificados em estudos prévios a partir de uma biblioteca subtrativa de botão floral do algodoeiro foram avaliados quanto à expressão em três estádios da fase de alongação das fibras (8, 10 e 18 DPA). As fases estudadas nesse trabalho consideraram o início de diferenciação dos tricomas até a fase de alongação que precede a formação da parede secundária. As fibras foram coletadas de acordo com seu período ontogenético e posteriormente foi obtido o RNAm e sintetizado o cDNA utilizando kits. Para as análises quantitativas via RT-qPCR foi utilizado o termociclador *Eco™ Real-Time PCR System* (Illumina). Todas as reações foram feitas em triplicata experimental e os dados brutos de fluorescência para determinação da curva de Melt, valores de Cts e os gráficos foram gerados automaticamente pelo termociclador. Para normalização da reação foram utilizados os genes constitutivos *GhACT* (Actina), *GhUBQ14* (poliubiquitina) e *GhPP2A* (*subunidade catalítica de fosfatase 2A*), e para análise do padrão gerado foi utilizado a quantificação relativa. Todos os genes apresentaram padrão de expressão diferenciado para todos os estádios avaliados. O gene *GhFIB010* apresentou expressão mais acentuada em 10 DPA, enquanto que os demais genes apresentaram em fibras com 18 DPA. Dentre esses genes, o gene *GhGLUC*, compreendendo as *glucanases* necessárias para a síntese de celulose, revelou o maior pico de expressão aos 18 DPA sugerindo sua atuação no desenvolvimento das fibras diretamente na fase de alongação. Considerando-se, contudo, os valores relativos da expressão de cada gene, surpreendentemente o *GhUDP*, que envolve uma classe de enzimas que atuam diretamente na fase de alongação das fibras, apresentou em nossos estudos um nível de expressão baixo. Os resultados obtidos neste trabalho fornecem informações relevantes de genes que atuam na fase de alongação das fibras. Esse período tem sido bastante investigado, uma vez que o comprimento das fibras de algodão é uma característica determinante da qualidade e rendimento. Porém, outros estudos são necessários para o avanço do conhecimento, bem como para o isolamento de promotores, de modo a contribuir com o programa de melhoramento genético do algodão visando melhorar os atributos intrínsecos das fibras.

Palavras-chave:

Algodão, alongação das fibras, transcriptoma, RT-qPCR

Apoio:

Embrapa e Capes